

GenCore version 4.5
 Copyright (c) 1993 - 2000 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 17, 2001, 19:58:43 ; Search time 1216.64 Seconds
 (without alignments)
 12440.963 Million cell updates/sec

Title: US-09-456-306-1
 Perfect score: 2160
 Sequence: 1 ttagaggcgattctgtgagg. ggtggccatgagatgtccct 2160
 Scoring table: IDENTITY NUC
 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 7991742 seqs, 3503743858 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 15983484

Minimum DB seq length: 0
 Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

Database : EST:*

1: gb_est1:*

2: gb_est2:*

3: gb_est3:*

4: gb_est4:*

5: gb_est5:*

6: gb_est6:*

7: gb_est7:*

8: gb_est8:*

9: gb_est9:*

10: gb_est10:*

11: gb_est11:*

12: gb_est12:*

13: gb_est13:*

14: gb_est14:*

15: gb_est15:*

16: gb_est16:*

17: gb_est17:*

18: gb_est18:*

19: gb_est19:*

20: gb_est20:*

21: gb_est21:*

22: gb_est22:*

23: gb_est23:*

24: gb_est24:*

25: gb_est25:*

26: gb_est26:*

27: gb_est27:*

28: gb_est28:*

29: gb_est29:*

30: gb_est30:*

31: gb_est31:*

32: gb_est32:*

33: gb_est33:*

34: gb_est34:*

35: gb_est35:*

36: gb_est36:*

37: gb_est37:*

38: gb_est38:*

39: gb_est39:*

40: gb_est40:*

41: em_estba:*

42: em_estfun:*

43: em_esthumi1:*

44: em_esthumi2:*

45: em_esthumi3:*

46: em_esthumi4:*

47: em_esthumi5:*

48: em_esthumi6:*

49: em_esthumi7:*

50: em_esthumi8:*

51: em_esthumi9:*

52: em_esthumi10:*

53: em_esthumi11:*

54: em_esthumi12:*

55: em_esthumi13:*

56: em_esthumi4:*

57: em_esthumi5:*

58: em_esthumi6:*

59: em_esthumi7:*

60: em_esthumi8:*

61: em_esthumi9:*

62: em_esthumi20:*

63: em_esthini1:*

64: em_esthini2:*

65: em_esthini3:*

66: em_esthini4:*

67: em_esthini5:*

68: em_esthini6:*

69: em_esthini7:*

70: em_esthini8:*

71: em_esthini9:*

72: em_esthini10:*

73: em_esthini11:*

74: em_estroi1:*

75: em_estroi2:*

76: em_estroi3:*

77: em_estroi4:*

78: em_estroi5:*

79: em_estroi6:*

80: em_estroi7:*

81: em_estroi8:*

82: em_estroi9:*

83: em_estroi10:*

84: em_estroi11:*

85: em_estroi12:*

86: em_estroi13:*

87: gb_est41:*

88: gb_est42:*

89: gb_est43:*

90: gb_est44:*

91: gb_est45:*

92: gb_est46:*

93: gb_est47:*

94: gb_est48:*

95: gb_est49:*

96: gb_est50:*

97: gb_est51:*

98: gb_est52:*

99: gb_est53:*

100: gb_est54:*

101: gb_est55:*

102: gb_est56:*

103: gb_est57:*

104: gb_est67:*

105: gb_est68:*

106: gb_est69:*

107: gb_est70:*

108: gb_est71:*

109: gb_est72:*

110: gb_est73:*

111: gb_est74:*

112: em_esthumi1:*

113: em_esthumi2:*

114: em_esthumi3:*

115: em_estomi1:*

116: em_estomi2:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
117: em_estol6:*	190:	gb_gss25:*			
118: em_estol7:*	191:	gb_gss25:*			
119: em_estol8:*	192:	gb_gss25:*			
120: em_estol4:*	193:	gb_gss28:*			
121: em_estol5:*					
122: em_estol6:*					
123: em_estol7:*					
124: em_estol8:*					
125: em_estol9:*					
126: gb.est58:*					
127: gb.est59:*					
128: gb.est60:*					
129: gb.est61:*					
130: gb.est62:*					
131: gb.est63:*					
132: gb.est64:*					
133: gb.est65:*					
134: gb.est66:*					
135: gb.est75:*					
136: gb.est76:*					
137: gb.est77:*					
138: gb.est78:*					
139: gb.est79:*					
140: gb.est80:*					
141: gb.est81:*					
142: gb.est82:*					
143: gb.est83:*					
144: gb.est84:*					
145: gb.est85:*					
146: gb.est86:*					
147: gb.est87:*					
148: gb.gss1:*	17:	50.8	2.4	520	AW036130
149: gb.gss2:*	18:	50.0	2.3	560	AW036130
150: gb.gss3:*	19:	49.4	2.3	824	AW036130
151: gb.gss4:*	20:	48.2	2.2	465	AW036130
152: gb.gss5:*	21:	47.8	2.2	357	AW036130
153: em.gss2:*	22:	47.8	2.2	490	AW036130
154: em.gss3:*	23:	47.8	2.2	508	AW036130
155: em.gss4:*	24:	47.2	2.2	508	AW036130
156: gb.gss5:*	25:	47.2	2.2	565	AW036130
157: gb.gss6:*	26:	47.2	2.2	462	AW036130
158: gb.gss7:*	27:	47.2	2.2	467	AW036130
159: gb.gss8:*	28:	47.2	2.2	497	AW036130
160: gb.gss9:*	29:	47.2	2.2	523	AW036130
161: gb.gss10:*	30:	47.2	2.2	527	AW036130
162: gb.gss11:*	31:	47.2	2.2	585	AW036130
163: gb.gss12:*	32:	47.2	2.2	604	AW036130
164: gb.gss13:*	33:	47.2	2.2	633	AW036130
165: gb.gss14:*	34:	47.2	2.2	771	AW036130
166: gb.gss15:*	35:	47.2	2.2	835	AW036130
167: gb.gss16:*	36:	47.2	2.2	906	AW036130
168: gb.gss17:*	37:	47.2	2.2	948	AW036130
169: gb.gss18:*	38:	46.6	2.2	985	AW036130
170: gb.gss19:*	39:	46.6	2.2	105	AW036130
171: gb.gss20:*	40:	46.6	2.1	87	AW036130
172: gb.gss21:*	41:	45.6	2.1	466	AW036130
173: gb.gss22:*	42:	45.6	2.1	143	AW036130
174: gb.gss23:*	43:	45.6	2.1	R17722	AW036130
175: gb.gss24:*	44:	45.6	2.1	466	AW036130
176: em.gss5:*	45:	45.2	2.1	45.6	AW036130
177: em.gss6:*	45.2	45.2	2.1	544	AW036130
178: em.gss7:*				110	AW036130
179: em.gss8:*				BE637311	AW036130
180: em.gss9:*					
181: em.gss10:*					
182: em.gss11:*					
183: em.gss12:*					
184: em.gss13:*					
185: em.gss14:*					
186: em.gss15:*					
187: em.gss16:*					
188: em.gss17:*					
189: em.gss18:*					

ALIGNMENTS

RESULT 1
AW036130/C
LOCUS 538 bp mRNA EST
DEFINITION EST24506 tomato seed, TAMU Lycopersicon esculentum CDNA clone
ACCESSION AW036130
VERSION AW036130.1
KEYWORDS EST
SOURCE tomato.

